



Caractérisation phénotypique et moléculaire de la collection nationale de ressources génétiques de blé tendre

François Balfourier

► To cite this version:

François Balfourier. Caractérisation phénotypique et moléculaire de la collection nationale de ressources génétiques de blé tendre. Innovations Agronomiques, INRA, 2014, 35, pp.181-191. <hal-01172128>

HAL Id: hal-01172128

<https://hal.archives-ouvertes.fr/hal-01172128>

Submitted on 6 Jul 2015

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Caractérisation phénotypique et moléculaire de la collection nationale de ressources génétiques de blé tendre

Balfourier F.

INRA –UMR GDEC- 5 chemin de Beaulieu, 63039 Clermont-Ferrand Cedex 2

Correspondance : francois.balfourier@clermont.inra.fr

Résumé :

La collection nationale blé tendre, regroupant 1783 accessions françaises, a été évaluée sur trois ans pour dix caractères agro-morphologiques (précocité, hauteur, compacité et aristation de l'épi, sensibilité à la verse, sensibilité aux rouilles jaunes, rouilles brunes, fusarioses, oïdium et septorioses) dans le réseau multilocal des sites de sélection des partenaires privés membres de l'UFS. Par ailleurs, la collection a été génotypée pour 42 locus microsatellites répartis sur l'ensemble du génome.

Les résultats d'évaluations agronomiques mettent en évidence une large variabilité pour l'ensemble des caractères observés. Une analyse de variance menée sur la précocité, la hauteur, la compacité, l'aristation et la sensibilité à la verse révèle de forts effets principaux du génotype et de l'année pour la plupart de ces variables, tandis que leurs interactions sont négligeables. L'application d'un index empirique de sélection sur les caractères de sensibilités aux maladies a permis de définir différents panels d'accessions montrant de bons niveaux de résistances aux cinq pathogènes étudiés.

L'analyse au niveau moléculaire révèle également une grande diversité au niveau du polymorphisme neutre. A partir de ces données, une analyse de la structure de la collection a confirmé l'importance de la date d'inscription des variétés comme facteur structurant fortement la collection. Par la suite, une première approche de génétique d'association a permis de révéler 130 associations statistiquement significatives entre phénotypes et génotypes aux marqueurs étudiés.

La collection nationale a été déclarée comme contribution française auprès de la FAO dans le cadre du traité international sur les ressources phytogénétiques. Elle est à ce titre largement diffusée sous forme de semences auprès de la communauté internationale.

L'ensemble des données d'évaluations du projet est en cours de transfert sur la base de données informatisées SReGaL et sera bientôt publiquement accessible sur le net (<http://urgi.versailles.inra.fr/siregal/siregal/welcome.do>)

Mots-clés: ressources génétiques, blé tendre, collection nationale, génotypage, phénotypage, structuration génétique

Abstract: Phenotypic and molecular characterization of the national collection of bread wheat genetic resources

The bread wheat national collection, gathering 1783 French accessions, was evaluated during three years for ten agro-morphological traits in a multisite network of private breeders. Furthermore, the whole collection was genotyped for a set of 42 microsatellite loci. Field evaluation results show a wide diversity for all observed traits. ANOVA performed on heading date, plant height, spike density and lodging susceptibility indicates both high significant genotype and year effect, without interaction. The use of empiric selection index on disease traits (yellow and brown rusts, septoria, fusarium and powdery mildew) makes it possible to define different panels of accessions showing high level of resistance for each specific pathogen.

Molecular analysis also reveals a large diversity at neutral level. From genotyping data, clustering analysis of the whole collection exhibits the importance of registration year effect on structure of the whole collection. A first approach of association genetics between markers and traits indicates a total of 130 significant associations ($p < 0.001$).

The national collection was declared as French contribution to the TIRPAA (international treaty on genetic resources for food and agriculture). Seeds from this collection are freely available in order to be used in breeding programs

The whole passport and evaluation dataset of this collection is currently transferred on the national database SReGaL and will be soon accessible on internet (<http://urgi.versailles.inra.fr/siregal/siregal/welcome.do>)

Keywords: genetic resources, bread wheat, national collection, genotyping, phenotyping, genetic structure

1. Objectif du programme de recherche

L'objectif du présent projet était de renforcer les partenariats de recherche sur la gestion et valorisation de la diversité domestiquée, entre les établissements privés de sélection réunis au sein de l'UFS (Union Française des Semenciers) et l'INRA, tous deux membres du réseau intéressé à la gestion des ressources génétiques des céréales à paille. Fort de ses atouts, le réseau se proposait de caractériser finement la totalité de la collection nationale de blés tendres, soit 1783 accessions, tant pour des caractères agronomiques d'intérêt que pour des marqueurs moléculaires. Pour ce faire, le programme envisageait différentes tâches de travail réparties entre les différents partenaires sur la durée du contrat : parmi les 12 membres de l'UFS intéressés au programme, huit d'entre eux devaient prendre en charge, à tour de rôle, l'évaluation phénotypique de la collection sur trois années consécutives, tandis que l'INRA se chargeait de l'évaluation moléculaire et, d'une façon générale, de l'animation du réseau.

2. La collection nationale « blé tendre »

Cette collection rassemble 1783 accessions choisies parmi des populations de pays, des lignées de sélection et des variétés radiées du catalogue français depuis sa création. Les populations de pays ou « landraces » sont celles historiquement connues pour leur utilisation en culture en France au cours des périodes passées. Les lignées de sélection correspondent à du matériel de sélection INRA non inscrit au catalogue mais présentant des caractéristiques potentiellement valorisables. Enfin, les variétés entrant dans cette collection sont celles ayant marqué les grandes périodes de sélection et de progrès génétique au cours du 20^{ème} siècle.

Cette collection a été constituée puis validée en liaison avec l'ensemble des membres du réseau « ressources génétiques des céréales à paille ». Elle est composée à 23% de landraces et « variétés anciennes » inscrites avant les années 50, à 20% de variétés « modernes » inscrites après les années 50, et enfin à 57% de lignées de sélection. Au niveau du type de développement, environ 90% des accessions sont de type « Hiver » et 10% de type printemps ou alternatif.

3. Diversité phénotypique de la collection nationale

Il était prévu que l'ensemble de la collection soit évalué sur trois ans à raison de 600 accessions + 11 Témoins par an. Chaque année, les 600 accessions ont été réparties en quatre groupes de précocité, soit 4x150 accessions + 11 Témoins évalués (Recital, Orventis, Toison dor, Auguste, Ritak, Apache,

Premio, Caphorn, Sankara, Aubusson, Bermude) en 2 sites, soit 2 répétitions lieux par an. Au total, 10 variables devaient être notées selon un protocole du type CTPS : la date d'épiaison (EPI), la hauteur des plantes (HT), la compacité de l'épi (COMP), son aristation (ARI) ainsi que la résistance à la verse (VER) et aux principaux pathogènes : rouille jaune (RJ), rouille brune (RB), septoriose (SEPT), oïdium (OID) et fusariose (FUS)

La récapitulation des observations effectivement réalisées dans chacun des lieux montre qu'un certain nombre d'évaluateurs n'a pu réaliser les observations prévues. En particulier, certaines observations de sensibilité aux maladies ont été rendues impossibles du fait de l'absence d'attaques significatives en un lieu et une année donnée. Par ailleurs, des observations contenant trop de données manquantes ont dû être écartées de l'analyse. Au final, le tableau des notations réellement exploitables étant trop déséquilibré, ceci a conduit à quelques difficultés pour conduire des analyses statistiques optimales permettant d'éventuelles comparaisons entre toutes les accessions. En particulier, l'analyse de l'effet lieux n'a pas été possible du fait de l'absence de répétition lieux pour un trop grand nombre de variables. De même, l'absence d'observations de maladies certaines années et la possibilité d'attaques par différentes races d'un même pathogène d'une année à l'autre nous ont conduit à effectuer des analyses distinctes par année pour les sensibilités aux pathogènes. Par contre, pour les autres variables (épiaison, hauteur, compacité et verse), l'analyse des témoins a permis de pallier certains de ces inconvénients.

3-1) Analyse sur les témoins

Une première approche sur les 11 témoins répétés dans chaque lieu et chaque année a permis d'analyser par ANOVA l'effet génotype, l'effet année et son interaction avec l'effet génotype, ceci pour l'épiaison, la hauteur, la compacité et la sensibilité à la verse, comme indiqué dans le Tableau 1. L'aristation n'a pu être analysée à ce niveau, faute d'observations suffisantes.

L'interaction est toujours non significative. L'effet année apparaît significatif pour l'épiaison, la hauteur et la sensibilité à la verse ($p < 0.001$), et dans une moindre mesure pour la compacité ($p < 0.01$). L'effet génotype est moindre que l'effet année et s'avère significatif uniquement pour l'épiaison et la hauteur.

| Variables | Effets | MC | F | P |
|------------------|------------------|----------|-----------------|-----------------|
| Epiaison | Génotype | 41274.9 | 3.94975 | 0.000169 |
| | Année | 255798.9 | 24.47833 | 0.000002 |
| | Année * Génotype | 2979.6 | 0.28513 | 0.998658 |
| Hauteur | Génotype | 1063.917 | 25.42666 | 0.000000 |
| | Année | 1592.439 | 38.05786 | 0.000000 |
| | Année * Génotype | 58.174 | 1.39031 | 0.146192 |
| Compacité | Génotype | 0.88769 | 0.19909 | 0.993448 |
| | Année | 47.67568 | 10.69266 | 0.001746 |
| | Année * Génotype | 0.39118 | 0.08773 | 1.000000 |
| Verse | Génotype | 11.1138 | 2.50275 | 0.013929 |
| | Année | 192.5333 | 43.35701 | 0.000000 |
| | Année * Génotype | 2.3306 | 0.52482 | 0.943565 |

Tableau 1 : Carrés moyens, F de Fisher et probabilité associée des effets génotype, année et leur interaction, pour les variables observées sur les 11 témoins

Par la suite, compte tenu de la non-significativité des interactions génotype x année comparées aux effets principaux, nous avons négligé ces interactions pour l'épiaison, la hauteur, la compacité et la verse. Puis, afin de corriger l'effet année et pouvoir ainsi comparer les accessions les unes aux autres pour ces quatre variables, chaque notation a été ramenée à un pourcentage de la valeur moyenne des notations effectuées sur tous les témoins.

3-2) Distribution des variables

Le Tableau 2 indique les valeurs moyennes des témoins exprimées dans leur échelle d'origine (épiaison en degré/jours ; hauteur en cm ; résistance à la verse et aux maladies : 1 = très sensible à 9= très résistant ; compacité : 1 = très lâche à 5 = très compact; aristation : 1 = non barbu à 2 = barbu). Le Tableau 3 nous donne, après transformation des échelles exprimées en pourcentage des témoins, les statistiques élémentaires calculées sur ces 5 variables, calculées sur l'ensemble des individus et exprimées en % des témoins, tandis que la Figure 1 présente les histogrammes de répartitions des observations pour ces 5 variables.

| Trait | Moy témoins |
|-------|-------------|
| EPI | 1448.00 |
| HT | 80.00 |
| COMP | 4.00 |
| VER | 8.00 |
| ARI | 1.00 |
| RJ | 6.00 |
| RB | 5.00 |
| SEP | 6.00 |
| OID | 7.00 |
| FUS | 3.00 |

Tableau 2 : Moyennes des 10 variables mesurées sur les 11 témoins

| Variable | Statistiques Descriptives (Données (% Temoins).sta) | | | | |
|------------|---|----------|----------|----------|------------|
| | N Actifs | Moyenne | Minimum | Maximum | Ecart-type |
| Epiaison | 1778 | 103,2189 | 75,76977 | 134,7674 | 10,55874 |
| Hauteur | 1632 | 127,0764 | 56,59346 | 198,7059 | 27,37667 |
| Compacité | 1336 | 79,5813 | 27,37752 | 136,8876 | 26,09281 |
| Verse | 1487 | 87,1097 | 13,25611 | 119,3050 | 40,85656 |
| Aristation | 1173 | 113,2884 | 95,77465 | 191,5493 | 36,74629 |

Tableau 3 : Nombre d'observations, moyenne, minimum, maximum et écart type des 5 variables exprimées en % des témoins

3-2-1 Epiaison

La date d'épiaison, observée sur un effectif de 1778 accessions, présente une grande diversité avec une distribution normale et une moyenne proche de celle des témoins (1448°jrs), ce qui correspond aux environs du 15 mai. L'épiaison s'étale de la fin avril au début juin pour les plus tardives. Parmi la collection nationale, les lignées et variétés modernes apparaissent légèrement plus précoces que les variétés anciennes.

3-2-2 Hauteur

La hauteur présente également une distribution quasi normale autour d'une moyenne correspondant à 127 % des témoins soit environ 100 cm, et des valeurs extrêmes de 45 cm et 159 cm. Sans surprise, les landraces et variétés anciennes apparaissent en moyenne plus hautes que les variétés modernes, les lignées de sélection étant les plus courtes. Ceci s'explique par l'introduction de gènes de nanisme dans les variétés les plus récentes et la pression de sélection pour ce caractère dans les programmes modernes.

3-2-3 Compacité de l'épi

Cette variable, mesurée sur une échelle de 1 à 5 et représentée en 4 classes sur l'histogramme de la Figure 2, présente une distribution plutôt bimodale, avec une majorité d'accessions à épi lâche ou peu compact. Parmi la collection, les variétés anciennes ont tendance à avoir des épis plus lâches que les variétés modernes et les lignées. Ceci peut sans doute s'expliquer par le fait qu'un épi plus compact est associé à un rendement en grains de l'épi plus élevé, ce qui se rencontre davantage chez les variétés sélectionnées plus récemment.

3-2-4 Sensibilité à la verse

La distribution de cette variable, mesurée sur une échelle de 1 à 9, est clairement bimodale, avec d'une part des accessions très sensibles, représentées principalement par des variétés anciennes, et d'autre part des résistantes issues de variétés modernes et surtout de lignées en cours de sélection. La corrélation entre hauteur et sensibilité à la verse explique sans doute cette différence entre les variétés anciennes et modernes. La majorité de la collection se trouve en moyenne plus résistante que les témoins.

3-2-5 Aristation

Ce caractère de reconnaissance variétale se répartit selon deux classes (épi barbu ou non barbu), avec une très large majorité de matériel non barbu (épi mutique).

3-2- Sensibilité aux pathogènes

Comme indiqué précédemment, l'absence de notations en certains lieux et certaines années n'a pas permis une analyse globale des 1783 accessions. Par contre, les fortes corrélations statistiquement significatives entre observations notées la même année en deux lieux différents nous ont permis de faire une analyse comparative année par année pour la résistance à la rouille brune (RB), rouille jaune (RJ), septoriose (SEP), oïdium (OID) et fusariose (FUS).

La large gamme de variabilité rencontrée lorsque les notations ont été effectuées (gamme de 1 = très sensible à 9 = très résistant) a permis d'établir une sorte d'index empirique de sélection donnant le même poids à chaque maladie mesurée. Puis, à partir de cet index, différents panels d'accessions ont été constitués :

- Un premier panel généraliste de 190 accessions rassemble les accessions ayant des notes au moins supérieures à 6 pour toutes les maladies observées. Ce panel représente donc du matériel d'un niveau au moins égal aux meilleurs témoins pour les observations réalisées une année donnée en au moins un lieu. La liste du matériel, fournie aux partenaires du projet, permet ainsi aux sélectionneurs de disposer d'un choix de ressources génétiques ayant une bonne résistance moyenne aux pathogènes et couvrant une large gamme de précocité et de hauteur.
- 5 panels plus spécialisés en fonction de leur résistance à un pathogène particulier ont également été constitués selon le même principe d'index empirique, en imposant dans ce cas une pression de sélection plus forte sur le pathogène considéré (≥ 7) tout en gardant une note correcte (≥ 5) pour les autres maladies. La liste de ces cinq panels (panelRJ= 205 accessions ;

panelRB = 161 ; panelSEP=130 ; panelOID=264 ; panelFUS=181) est un autre livrable du projet.

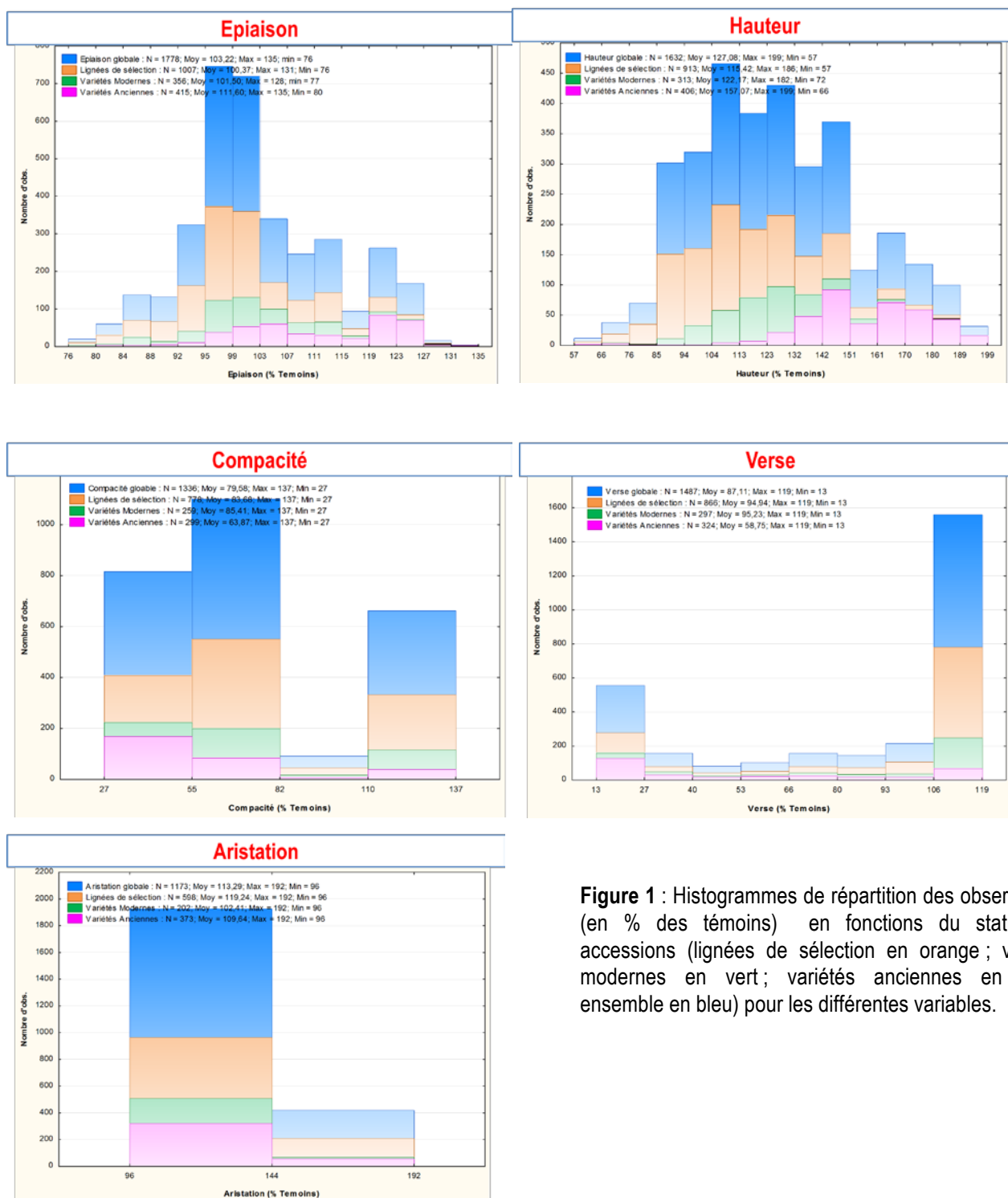


Figure 1 : Histogrammes de répartition des observations (en % des témoins) en fonctions du statut des accessions (lignées de sélection en orange ; variétés modernes en vert ; variétés anciennes en rose ; ensemble en bleu) pour les différentes variables.

Au total, 452 accessions ont ainsi été sélectionnées pour constituer ces 6 panels dont les compositions se recouvrent partiellement. Ces panels sont plus ou moins spécialisés donc à base relativement large. Ils devraient permettre, en tenant compte des autres caractéristiques de précocité, de hauteur et

corrélativement de sensibilité à la verse, de répondre aux soucis des sélectionneurs de trouver des géniteurs français adaptés aux contraintes biotiques.

4. Diversité moléculaire de la collection nationale

La collection nationale a été entièrement génotypée par le partenaire INRA pour un jeu de 42 marqueurs microsatellites répartis sur l'ensemble du génome à raison d'un marqueur par bras chromosomique.

4-1) Indices de diversité

Les indices de diversité (nombre d'allèles, indice de Nei,...) ont été calculés par locus, puis par groupe d'homéologie et comparés. Le nombre d'allèle/locus varie de 4 à 53, tandis que l'indice de Nei varie de 0,26 à 0,85. Comme le montre la Figure 2, il n'apparaît pas de différences significatives entre groupes d'homéologie, pour ces deux indices qui ont été aussi calculés sur le sous-échantillon de variétés inscrites (621 accessions) afin d'analyser l'évolution de la diversité en fonction de la date d'inscription au catalogue. On retrouve (Figure 3) des résultats déjà connus de réduction de la diversité dans la décade 60-70, réduction explicable par le phénomène de la révolution verte et l'intensification de l'agriculture après la seconde guerre mondiale en France (Roussel et al., 2004).

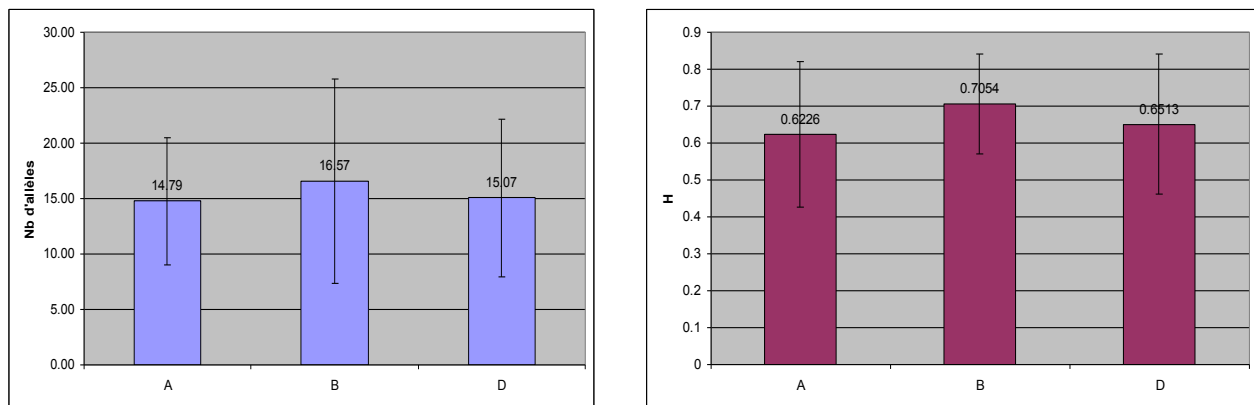


Figure 2 : Nombre moyen d'allèles (a) et indice H de diversité de Nei (b) en fonction des groupes A, B et D d'homéologie du génome du blé tendre

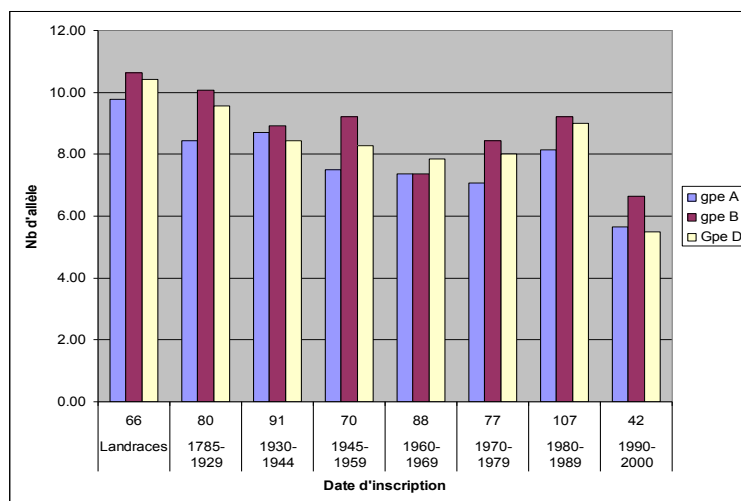


Figure 3 : Evolution du nombre d'allèles dans les populations de pays et les variétés en fonction de la période d'inscription au catalogue

4-2) Structuration de la diversité

La structuration globale de la diversité a été analysée selon différents facteurs : (i) la période d'utilisation des landraces puis d'inscription des variétés au catalogue, (ii) l'établissement de sélection d'origine de la variété, (iii) le type de développement de l'accession. La Figure 4 représente l'arbre issu d'une classification sur la matrice de distance entre groupes d'accessions regroupées selon leur période d'inscription : il apparaît une forte structuration de la diversité liée à ce critère, avec une séparation nette entre variétés inscrites avant et après les années soixante, les landraces se situant proches des premières variétés inscrites ou sélectionnées à partir de la fin du XIX^{ème} siècle (groupe 1785-1929). A l'inverse, l'origine du matériel selon son établissement d'origine n'apparaît pas un élément fortement structurant. De même, on n'observe pas dans la collection de structuration en fonction du type de développement (printemps vs hiver).

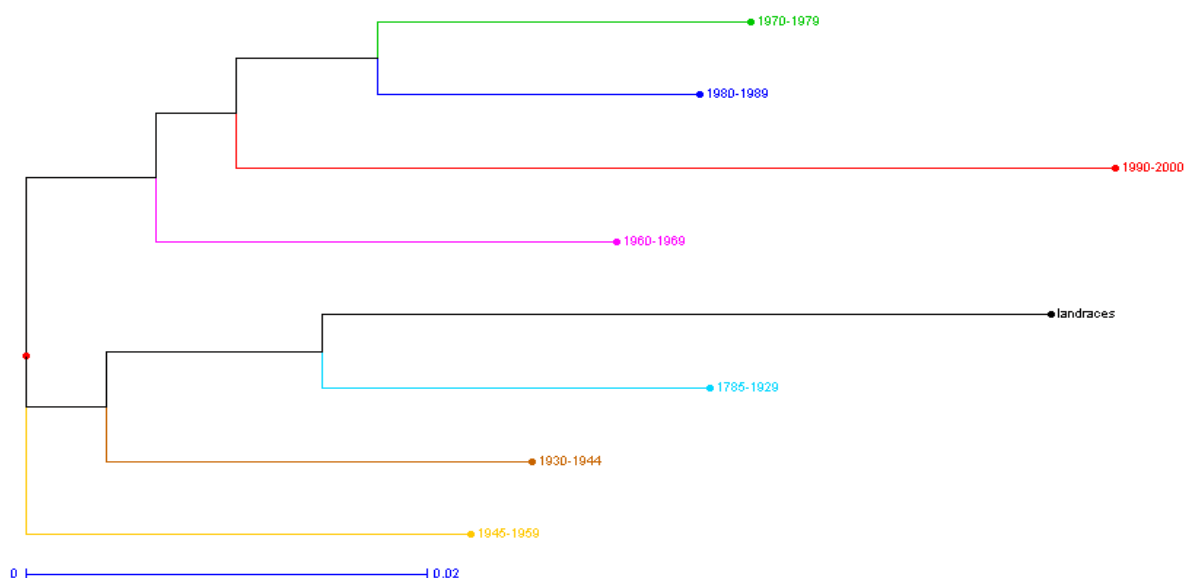


Figure 4 : Arbre issu d'une classification Neighbor-Joining sur la matrice de distance entre accessions regroupées selon leur période d'inscription au catalogue

L'analyse de la structuration à l'aide du logiciel « STRUCTURE » (Pritchard et al., 2000) a été réalisée dans le but de mettre en évidence une éventuelle structuration génétique parmi la collection nationale. Bien que le nombre de marqueurs (42) soit faible pour ce genre d'approche, six groupes d'accessions formant six sous-populations issues d'ancêtres fondateurs communs ont été détectés par cette approche. Ces 6 groupes ou classes sont représentés par des couleurs différentes sur l'arbre global de classification des accessions selon leur distance génétique (Figure 5) :

- La classe bleue (265 accessions) correspond principalement à des lignées de sélection (234) de l'INRA.
- La classe verte (165 acc.) relativement proche est faite aussi majoritairement de lignées (150) de l'INRA de Dijon ayant « Etoile de Choisy » dans leur pedigree.
- La classe rouge (386 acc.) rassemble à parts égales des landraces (185) et des lignées issues de croisement avec du matériel exotique (148).
- La classe orange (414 acc.) regroupe majoritairement (316) des lignées issues de croisement avec *Aegilops ventricosa* (lignées VPM) ainsi que des variétés récentes (81) issues de croisement avec « Capelle Desprez »

- La classe jaune (217) est faite de lignées récentes (110) et variétés modernes (84).
- Enfin, la classe marron (336) agrège principalement des variétés anciennes (180) et modernes (98) issues de la sélection conduite par les Etablissements Vilmorin.

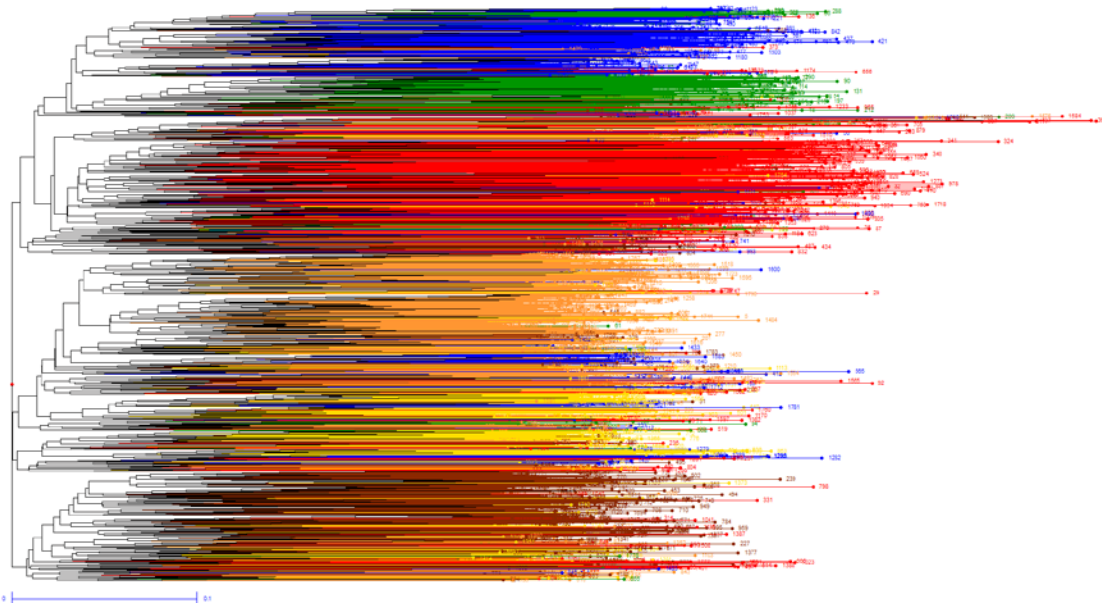


Figure 5 : Arbre issu d'une classification Neighbor-Joining sur la matrice de distance entre les 1783 accessions de la collection nationale, basée sur 42 marqueurs SSR. Les six différentes couleurs (bleue, verte, rouge, orange, jaune et marron) correspondent à l'affectation majoritaire de chaque accession à l'une des six populations fondatrices).

5. Analyse d'associations géno-phénotypiques

Une première approche d'analyse d'association a été réalisée à l'aide du logiciel TASSEL (Bradbury et al., 2007), entre d'une part les allèles des 42 marqueurs microsatellites et d'autre part les observations phénotypiques. Pour cette analyse, nous avons considéré les données moyennes brutes de chaque année indépendamment. Afin d'éviter des « faux positifs » liés à la structure génétique dans la collection nationale, un modèle prenant en compte, comme co-variable, la contribution de chaque accession à chacune des six populations fondatrices a été utilisée dans ces analyses d'association entre marqueurs et variables phénotypiques. Au total, 130 associations significatives au seuil de 0.001 ont été détectées.

Le Tableau 4 indique parmi ces associations, celles qui, pour une même variable, se répètent au moins deux années pour les sensibilités aux maladies et trois années pour les autres variables. Elles sont donc susceptibles d'être les plus robustes. Ainsi, l'épiaison apparaît par exemple significativement associée à des marqueurs comme gwm261, proche du gène Ppd1-D (gène contrôlant la photopériode sur le chromosome 2D), le marqueur gwm312 proche du gène Ppd1-1 sur le 2A, ou encore le marqueur gwm408 proche du gène Vrn1-B (gène contrôlant la vernalisation sur le 5B). Trois associations significatives ressortent deux années sur trois pour les maladies, avec des r^2 compris entre 5% et 9% : le marqueur gwm186 associé avec la sensibilité à l'oïdium, le marqueur cfd71D avec la rouille jaune et enfin gwm312 avec la fusariose.

| Trait | année | marqueur | F_Marker | p_Marker | r ² |
|-------|-------|----------|----------|----------|----------------|
| EPI | 1 | gwm11 | 4.6932 | 3.35E-04 | 0.0356 |
| EPI | 2 | gwm11 | 3.3988 | 0.0027 | 0.0295 |
| EPI | 3 | gwm11 | 5.6457 | 1.10E-05 | 0.0478 |
| EPI | 1 | gwm186 | 4.2852 | 5.28E-05 | 0.0517 |
| EPI | 2 | gwm186 | 4.4127 | 1.42E-05 | 0.0571 |
| EPI | 3 | gwm186 | 4.3231 | 1.99E-05 | 0.0555 |
| EPI | 1 | gwm2 | 8.5407 | 1.08E-06 | 0.0479 |
| EPI | 2 | gwm2 | 4.2797 | 0.002 | 0.0235 |
| EPI | 3 | gwm2 | 9.665 | 3.16E-06 | 0.0381 |
| EPI | 1 | gwm261 | 11.5605 | 5.19E-09 | 0.0651 |
| EPI | 2 | gwm261 | 6.8071 | 2.38E-05 | 0.0373 |
| EPI | 3 | gwm261 | 10.3075 | 4.92E-08 | 0.0562 |
| EPI | 1 | gwm312 | 3.5888 | 1.26E-04 | 0.0528 |
| EPI | 2 | gwm312 | 3.4253 | 2.29E-04 | 0.0471 |
| EPI | 3 | gwm312 | 2.9566 | 0.0013 | 0.0407 |
| EPI | 1 | gwm408 | 4.6934 | 1.14E-04 | 0.041 |
| EPI | 2 | gwm408 | 5.1891 | 3.36E-05 | 0.0448 |
| EPI | 3 | gwm408 | 6.7465 | 6.85E-07 | 0.0568 |
| HT | 1 | gwm186 | 3.2579 | 0.0012 | 0.0349 |
| HT | 2 | gwm186 | 3.322 | 6.36E-04 | 0.033 |
| HT | 3 | gwm186 | 4.2169 | 2.87E-05 | 0.0426 |
| HT | 1 | gwm261 | 7.6907 | 4.96E-06 | 0.038 |
| HT | 2 | gwm261 | 6.7032 | 3.12E-05 | 0.028 |
| HT | 3 | gwm261 | 5.6793 | 1.77E-04 | 0.0235 |
| OID | 1 | gwm186 | 3.1686 | 0.0016 | 0.0454 |
| OID | 3 | gwm186 | 2.9774 | 0.002 | 0.0662 |
| RJ | 1 | cfd71D | 3.7284 | 7.44E-05 | 0.0532 |
| RJ | 2 | Cfd71D | 3.2072 | 6.46E-04 | 0.093 |
| FUS | 1 | gwm312 | 2.8436 | 0.002 | 0.0666 |
| FUS | 2 | gwm312 | 3.1433 | 8.19E-04 | 0.0806 |

Tableau 4 : Associations marqueurs/traits les plus robustes

6. Conclusions

Grâce à un travail associant collectivement l'ensemble des partenaires du réseau Ressources Génétiques - céréales à paille, ce programme de recherche a permis une première description exhaustive de la collection nationale française de blé tendre, tant pour une dizaine de caractères agro-morphologiques que pour 42 locus moléculaires répartis sur le génome.

La diversité observée dans cette collection pour les traits agro-morphologiques est apparue importante ; la collection est riche de matériels génétiques potentiellement intéressants pour améliorer la sélection du blé tendre dans les conditions françaises. En particulier, le niveau de résistance à certains pathogènes laisse entrevoir la possibilité d'utiliser en croisement certaines de ces ressources, et ce dans une gamme de précocité importante.

L'identification, à l'intérieur de cette collection, de six panels de matériel généraliste ou répondant à des résistances bien précises a pu être réalisée à partir d'un index empirique. Ces panels devraient permettre par la suite une valorisation plus rapide de la diversité.

L'analyse moléculaire à 42 locus a permis d'acquérir une meilleure connaissance des relations génétiques existant entre les accessions françaises. Bien que cette analyse mériterait sans doute d'être enrichie par l'apport d'autres marqueurs en plus grand nombre, elle a permis aussi de vérifier que la collection était structurée temporellement, en liaison avec la date de sélection puis d'inscription des variétés au catalogue. Enfin, l'analyse de la structure génétique de cette collection a révélé l'existence de 6 sous-populations fondatrices au sein de la collection nationale, l'origine de ces sous-populations pouvant être reliée à certains événements majeurs de la sélection en France durant le XX^{ème} siècle (utilisation de landraces puis apparition des premières variétés « Vilmorin », création après la dernière guerre de lignées de sélection INRA, introduction de matériel exotique durant la révolution verte (lignées VPM) et enfin sélection moderne).

Les résultats combinés de l'évaluation agronomique et des données de marquage révélatrices d'une structure génétique ont permis une première approche de génétique d'association ; après prise en compte de cette structure, certains allèles de marqueurs se trouvent en effet significativement associés à des traits agronomiques essentiels, tels que les résistances aux pathogènes. Mais ce n'est qu'une première approche et un marquage plus extensif de cette collection, associé à des observations fines de phénotypage répétées plusieurs années devraient sans doute permettre, dans le cadre du projet national Investissement d'Avenir « Breedwheat », une valorisation encore plus importante de cette collection par génétique d'association.

A ce jour, la collection nationale blé tendre a été déclarée auprès du secrétaire général de la FAO comme contribution française au traité international sur les ressources phytogénétiques. L'ensemble des informations sur la diversité de cette collection est désormais mis à disposition non seulement de la communauté scientifique internationale travaillant sur cette espèce, mais aussi des acteurs nationaux de la filière blé tendre (sélectionneurs, agriculteurs, associations,...) utilisateurs des ressources, ceci via la base de données SReGaL accessible sur internet (<http://urgi.versailles.inra.fr/siregal/siregal/welcome.do>)

Remerciements

Ces travaux ont bénéficié du soutien financier du Ministère en charge de l'Agriculture, grâce au contrat de branche Blé tendre C2008-17. Ont contribué à ce projet, les partenaires suivants, membres du réseau « Ressources Génétiques Céréales à paille » :

E. Margalé (Serasem), F. Minard (RAGT), J. Auzanneau (Agri-Obtentions), P. Giraudeau (Secobra), S. Dutriez (Caussade Semences), S. Sunderwirth (Momont), B. Duperrier (Limagrain), V. Lein (Staaten Union), J.M Delahaye (Lemaire Deffontaines), S. Regnault (Unisigma), P. Lonnet (Florimond Desprez), S. Caiveau (Syngenta), A. Didier (INRA, Clermont), E. Boulat (INRA, Clermont), M. Deloche (INRA, Clermont), F. Exbrayat (INRA, Clermont), L. Bardy (INRA, Clermont).

Références bibliographiques :

- Bradbury P.J., Zhang Z., Kroon D.E., Casstevens T.M., Ramdoss Y., Buckler E.S., 2007. TASSEL: Software for association mapping of complex traits in diverse samples. *Bioinformatics* 23, 2633-2635.
- Pritchard J.K., Stephens M., Donnelly P., 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155, 945–959
- Roussel V., Koenig J., Beckert M., Balfourier F., 2004. Molecular diversity in French bread wheat accessions related to temporal trends and breeding programmes. *Theor Appl. Genet* , 108, 920-930.